

宏基因组揭示西藏市政污水中微生物的塑料降解功能潜力

邱语馨^{1,2}, 李来一^{2,3}, 林来昌^{2,3}, Bob Adyari^{2,3}, 李姜维^{2,3}, 胡安谊^{2*}

(1. 福建农林大学资源与环境学院, 福建 福州 350002; 2. 中国科学院城市环境研究所, 城市污染物转化重点实验室, 福建 厦门 361021; 3. 中国科学院大学, 北京 100049)

摘要: [目的] 塑料污染已成为全球性环境挑战, 而高原地区微生物对塑料的生物降解潜力及关键功能基因尚不明确。本研究旨在挖掘高原地区市政污水中微生物塑料降解功能潜力, 解析微生物在塑料降解过程中涉及的关键基因及其潜在宿主。[方法] 运用宏基因组学技术深入分析了西藏地区 15 个市政污水厂进水中微生物的塑料降解基因, 及其与理化指标、微生物群落结构的相互关系, 探讨了影响污水厂进水微生物塑料降解基因分布格局的关键因素。[结果] 研究区污水中共检测到 15 类塑料降解基因, 其中人工合成杂链塑料降解基因的多样性最高。冗余分析表明, K^+ 和 SO_4^{2-} 是影响人工合成塑料降解基因分布的关键环境因子。分类分析表明, 条件致病菌如假单胞菌属 (*Pseudomonas*)、不动杆菌属 (*Acinetobacter*) 是大部分塑料降解基因的宿主, 它们多携带人工合成同链塑料降解基因。[结论] 本研究揭示了高原市政污水系统中微生物塑料降解基因的分布格局及其关键驱动因子, 发现病原菌可能倾向于携带人工合成同链塑料降解基因, 可为深入挖掘高原地区微生物塑料降解遗传资源提供基础参数和科学依据。

关键词: 微生物; 塑料降解基因; 污水处理厂; 宏基因组; 西藏

中图分类号: X172

文献标志码: A

文章编号: 0438-0479(2025)03-0538-08

Metagenomics reveals the plastic degradation potential of microorganisms in municipal sewage in Xizang

QIU Yuxin^{1,2}, LI Laiyi^{2,3}, LIN Laichang^{2,3}, ADYARI Bob^{2,3}, LI Jiangwei^{2,3}, HU Anyi^{2*}

(1. College of Resources and Environment, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China; 2. Key Laboratory of Urban Pollutant Conversion, Institute of Urban Environment, Chinese Academy of Sciences, Xiamen 361021, China; 3. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China)

Abstract: [Objective] Plastic pollution has emerged as one of the most pressing environmental crises of the Anthropocene, with about 391 million tons produced annually. This study aims to explore the potential of microbial plastic degradation in municipal sewage in high-elevation areas, and to analyze the key genes and potential hosts involved in the plastic degrading process by microorganisms. [Methods] This study integrated cutting-edge metagenomic sequencing with multivariate environmental characterization, encompassing 16 physicochemical parameters such as ionic composition (K^+ , SO_4^{2-} , Cl^-), nutrient levels (total nitrogen). Metagenomic libraries were constructed using the Illumina NovaSeq platform to generate high-coverage datasets, thereby facilitating the robust detection of low-abundance genetic elements. A customized bioinformatics pipeline was developed to annotate plastic degrading genes, leveraging the Plastic Biodegradation Database for functional pathway reconstruction. [Results] Comprehensive analysis of 21 influent samples from sewage treatment plants across Xizang identified a diverse repertoire of plastic degradation genes, spanning 5 major categories and 13 subclasses. While regional differences in gene composition were minimal,

收稿日期: 2024-10-22 录用日期: 2025-03-17

基金项目: 第二次青藏高原综合科学考察研究项目(2021QZKK0103, 2019QZKK0503); 福建省青年外国专家引进计划

* 通信作者: ayhu@iue.ac.cn

引文格式: 邱语馨, 李来一, 林来昌, 等. 宏基因组揭示西藏市政污水中微生物的塑料降解功能潜力[J]. 厦门大学学报(自然科学版), 2025, 64(3): 538-545.

Citation: QIU Y X, LI L Y, LIN L C, et al. Metagenomics reveals the plastic degradation potential of microorganisms in municipal sewage in Xizang[J]. J Xiamen Univ Nat Sci, 2025, 64(3): 538-545. (in Chinese)



central regions exhibited higher total gene abundance, with Bomi County in the east showing the highest relative abundance. Degradation genes targeting polyhydroxyalkanoates (PHA) and synthetic homochain plastics dominated, displaying distinct spatial patterns; western sites specialized in PHA degradation, while central and eastern regions demonstrated dual dominance of PHA and synthetic plastic degrading genes. Notably, ZY1 and ZY2 contained a higher abundance of natural plastic degradation genes. Statistical analysis results showed that gene abundance was stable across months and not significantly correlated with geographical parameters. Procrustes analysis showed weak correlation between plastic degradation genes and bacterial communities. Variance partitioning analysis identified sewage physicochemical parameters [K^+ , dissolved oxygen (DO), total nitrogen (TN), and temperature] as primary drivers, explaining 58.0% of gene composition variance. Socioeconomic indices accounted for 14.8%, highlighting anthropogenic impacts, while bacterial communities contributed only 5.2%. Mantel tests confirmed K^+ and SO_4^{2-} as significant predictors of synthetic plastic degradation genes ($P < 0.05$), with no environmental variables linked to natural plastic degradation genes. Host-pathogen analysis revealed *Acinetobacter johnsonii* as the predominant pathogenic host, exclusively carrying synthetic homochain plastic degradation genes. [Conclusion] This study reveals a robust yet spatially homogeneous microbial plastic degradation potential in Xizang sewage systems, driven primarily by physicochemical factors (K^+ , SO_4^{2-}) rather than geographical or biological parameters. The dominance of *A. johnsonii* as a pathogenic host for synthetic plastic degradation genes raises biosafety concerns, necessitating stringent monitoring in sewage treatment systems. The biodegradation process of synthetic homochain plastics may also pose risks of pathogen transmission. These findings provide a scientific foundation for developing targeted strategies to mitigate plastic pollution in fragile high-altitude ecosystems while addressing potential pathogen transmission risks. Future research should focus on optimizing biodegradation pathways and monitoring pathogen-plastic degradation linkages in these unique environments.

Keywords: microorganism; plastic degrading gene; sewage treatment plant; metagenomics; Xizang

近年来,人类工业化进程加速与塑料制品管理失当导致全球性塑料污染问题日益严峻^[1]. 统计数据显示,全球塑料年产量已从1950年的500万t激增至2021年的3.91亿t^[2]. 然而,大多数废弃塑料积累在垃圾填埋场或自然环境中,难以得到有效清除. 这些环境残留塑料通过光氧化、热降解及机械磨损等非生物降解过程,逐步裂解为粒径1~5 mm的微塑料颗粒. 目前微塑料污染已扩散至大气、海洋^[3]、河流^[4]、湖泊^[5]、土壤^[6]等环境介质. 微塑料也广泛存在于人类食品^[7]、饮料和产品包装^[8]中,并通过食物链传递、呼吸暴露及皮肤接触等途径侵入人体. 流行病学研究证实,微塑料可以穿过生物屏障进入细胞中,可能诱发炎症^[9]、氧化应激^[10]、内分泌系统紊乱^[11]以及肿瘤病变^[12]等问题,对人类健康构成重大威胁.

传统塑料因其高分子链的化学惰性,在自然环境中可存续数百年. 当前塑料降解途径主要包括非生物降解与生物降解两类机制:非生物降解指的是塑料在光照^[13]、温度^[14]、空气、水或机械力等环境因素的作用下发生的物理或化学变化,通过键的断裂将塑料分解为低聚物和单体;而塑料的生物降解被认为是更加环保的方法,功能微生物会在塑料表面或内部产生塑料降解酶,并将塑料最终分解转化为二氧化碳和水. 已有研究表明微生物菌群具有有效降解微塑料的潜力,但不同研究得出的核心菌群存在差异. Kumar等^[15]在印度垃圾渗滤液中发现以变形菌门和拟杆菌门为主导的降解菌群. Zhang等^[16]通过扩增子测序分析发现,塑料降解菌群的关键物种是变形菌门和放线菌门. 在塑料的生物降

解过程中,塑料降解基因负责编码能够有效分解塑料的解聚酶或水解酶. 通过研究和识别这些塑料降解基因,研究者们可以深入探究微生物群落如何协同作用以实现微塑料的有效降解. 近年来,宏基因组学研究揭示了塑料降解的关键分子机制. 有研究发现假单胞菌(*Pseudomonas*)和红球菌(*Rhodococcus*)在混合塑料降解过程中表达具有塑料降解功能的基因^[17];还有研究发现在中国华南地区降解天然塑料的核心塑料降解基因是3HV脱氢酶^[18]. 通过研究这些塑料降解基因,人们可以更好地理解微生物对微塑料的降解机制,深入挖掘微生物携带塑料降解遗传资源的潜力,为应对塑料污染问题提供新的思路和解决方案.

青藏高原被誉为“世界屋脊”,其独特的高海拔地理特征塑造了特殊的高原生态系统,在全球气候变化调节和水文循环维系中发挥着关键作用. 该区域的极端环境条件对生物群落多样性及功能特性产生显著影响,蕴藏着大量未开发的微生物遗传资源. 污水中存在大量塑料颗粒,包括洗涤衣物时释放的合成纤维(主要是聚酯和尼龙)以及洗面奶、牙膏和化妆品中添加的微珠^[13]. 因此,污水处理厂已成为城市水环境中微塑料的分布热区. 已有研究发现,人类和无脊椎动物肠道的微生物菌群可有效降解低密度聚乙烯、聚丙烯、聚苯乙烯等塑料^[3]. 而城市污水厂收纳了城市居民排泄物,含有大量人类肠道菌. 因此肠道菌群可能在污水中与微塑料密切接触,进而降解塑料或进化出塑料降解功能. 值得注意的是,我国东部和西藏地区的污水厂进水(污水)中微生物群落有着显著差别,说

明西藏地区污水中可能含有较为独特的人类肠道和污水菌群^[19-20],暗示高原污水可能蕴含独特的塑料降解功能菌群.然而,目前对青藏高原污水系统中微生物塑料降解的功能潜力仍缺乏系统认知.

传统的微生物学方法和生态学研究往往难以全面揭示微生物群落的功能和生态适应性;相比之下,宏基因组技术则能够对整个微生物群落的基因组进行分析,揭示未培养微生物的代谢途径,为微生物降解塑料提供新的研究思路.因此,本研究以西藏地区污水厂中的进水样品为研究对象,通过宏基因组分析手段挖掘高原地区市政污水中微生物塑料降解基因,同时解析塑料降解基因的主要宿主,从而揭示不同微生物对塑料降解过程的适应性,以期为高海拔环境中微生物介导的塑料降解机制提供新的见解,为开发高效的微生物塑料降解技术提供科学依据.

1 材料与方法

1.1 采样区域和样品采集

以中国青藏高原(78°25′~99°06′ E, 26°50′~36°53′ N)的15个污水处理厂^[20]为研究对象,于2023年5月和7月共采集21份污水厂进水样品(图1).采样区域涵盖了西藏人口最密集的区域,包括6个地级行政单位(阿里地区、日喀则地区、拉萨地区、山南地区、林芝地区和昌都地区).本研究将阿里地区的札达县(ZD)和噶尔县(GR),日喀则地区的萨嘎县(SG)、拉孜县(LE)和日喀则市(SGS)划分为西部地区;拉萨地区的拉萨市(LS)和曲水县(CS),山南地区的扎囊县(DN)和贡嘎县

(GG),林芝地区的朗县(NS)划分为中部地区;林芝地区的林芝市(NC)、鲁朗镇(LL)、波密县(PM)和察隅县(ZY),昌都地区的昌都市(CO)划分为东部地区.样本名称后的1和2分别代表采样时间为5月和7月.现场采集300~500 mL水样后使用0.22 μm滤膜过滤,3次重复.同时,使用0.45 μm滤膜对50 mL水样进行过滤,用于后续的水质参数分析.所有采集的样品均保存在含有冰袋的保温箱中,并立即运送至实验室进行后续分析.

1.2 水体理化性质分析

用WTW multi 3630多参数水质分析仪现场测定污水厂进水样品的水质参数,包括温度、溶解氧(dissolved oxygen, DO)质量浓度、电导率(electrical conductivity, EC)和pH.使用微板法测定总氮(total nitrogen, TN)^[21].利用Dionex ICS 3000离子色谱仪测定亚硝酸盐(NO₂⁻)、硝酸盐(NO₃⁻)、硫酸盐(SO₄²⁻)、铵盐(NH₄⁺)和磷酸盐(PO₄³⁻)、钠离子(Na⁺)、镁离子(Mg²⁺)、钙离子(Ca²⁺)和钾离子(K⁺)的质量浓度.

1.3 DNA提取和宏基因组测序

使用FastDNA® SPIN Kit for Soil(Qbiogene-MP Biomedicals, Irvine, CA, USA)试剂盒提取样品基因组的DNA.提取后的DNA样品送至上海美吉医药科技有限公司进行宏基因组测序(Illumina NovaSeq 6000平台双端测序),每个样本的测序数据约20 Gb.宏基因组的原始数据已上传至美国国家生物技术信息中心(National Center for Biotechnology Information, NCBI)SRA数据库中,项目编号为PRJNA1077107.

1.4 生物信息学分析

原始宏基因组数据通过KneadData(v0.6.1)去除了

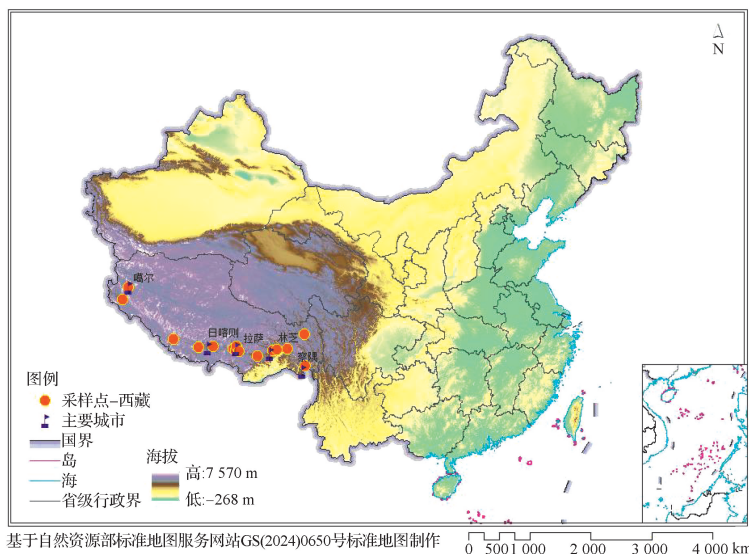


图1 西藏污水厂采样点分布

Fig. 1 Distributions of sampling sites of sewage treatment plants in Xizang

低质量序列和人类宿主污染序列. 质控后的序列由 MEGAHIT(v1. 2. 9) 进行组装, 选取长度大于 500 bp 的重叠群(contigs)用于后续分析. 使用 Prodigal(v2. 6. 3) 对 contigs 进行基因预测, 并筛选长度大于 100 bp 的基因. 使用 Diamond(<http://www.diamondsearch.org/index.php>, v0. 8. 35) 将非冗余基因集的氨基酸序列与塑料生物降解数据库 (Plastic Biodegradation Database, PlasticDB) 进行比对, 获得基因对应的塑料降解功能注释信息, 按照 PlasticDB 的分类, 将塑料降解基因分为 6 个大类: 天然聚羟基脂肪酸酯 (polyhydroxyalkanoates, PHA) 降解基因、多种天然塑料协同降解基因、人工合成杂链塑料降解基因、人工合成同链塑料降解基因、人工合成杂链和天然塑料协同降解基因、人工合成同链和天然塑料协同降解基因^[22]. 使用基于 Bray Curtis 距离的主坐标分析进行塑料降解基因组成差异的可视化. 将基因丰度标准化为 RPKM (reads per kilobase per million mapped reads). 使用 Blastp(v2. 9. 0) 对鉴定为塑料降解基因的氨基酸序列进行同源性分析.

1.5 统计分析

利用 ArcMap 10. 8 软件绘制采样点分布地图, 以直观展示各采样点的分布. 通过系统检索 2020—2024 年各地国民经济和社会发展统计公报, 采集人口密度、地区生产总值及三次产业增加值等社会经济指数. 采用方差分解分析量化三类预测变量(水质参数、社会经济指数、细菌群落)对塑料降解基因丰度的解释率. 使用方差分解分析量化不同水质参数、社会经济指数和细菌群落(使用主坐标分析的 PC 值表示)对塑料降解基因分布格局的影响. 使用“phyloseq”“ggplot2”“linkET”软件包在 R(v4. 3. 1) 上进行统计分析与图形可视化.

2 结果与分析

2.1 西藏污水中塑料降解基因的分布和组成特征

西藏不同地区(西部、中部、东部)污水厂进水中微生物塑料降解基因的组成如图 2 所示, 21 份污水厂

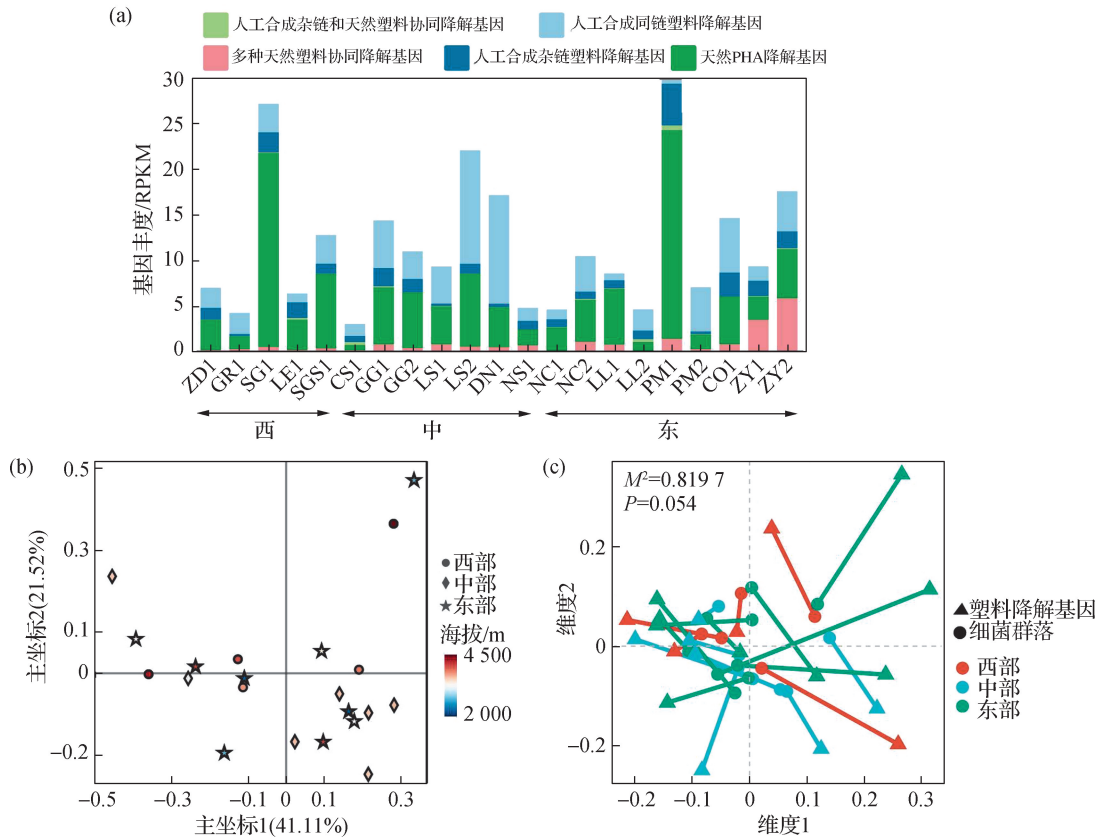


图 2 21 份西藏污水厂进水中塑料降解基因丰度(a)和基因组成主坐标分析(b),以及塑料降解基因和细菌群落的普氏分析(c)

Fig. 2 Abundance of plastic degrading genes in 21 sewages in Xizang (a), principal coordinates analysis of gene composition (b), and Procrustes analysis of plastic degrading genes and bacterial communities (c)

进水样品中共检测到隶属于 5 大类 13 个小类的塑料降解基因. 总体上中部地区污水厂进水中塑料降解基因的总相对丰度较高, 而地区内比较显示东部地区波密县污水中塑料降解基因的相对丰度最高. 在所有样品中, 天然 PHA 降解基因和人工合成同链塑料降解基因的占比较高(西部地区以天然 PHA 降解基因为主, 而中部和东部地区由这两种基因共同主导). 值得注意的是, 察隅污水厂进水(ZY1 和 ZY2)中多种天然塑料协同降解基因的丰度较高[图 2(a)]. 多元统计分析显示, 样本采集时间和地理参数对塑料降解基因的分布无显著影响. 主坐标分析结合置换多元方差检验表明, 细菌群落与塑料降解基因存在弱相关性(普氏分析, $M^2=0.8197, P=0.054$), 说明塑料降解基因的分布受菌群的影响较小[图 2(b)和(c)].

2.2 塑料降解基因的环境影响因素

表 1 展示了采集的污水厂进水样品的相关水质参数. 基于方差分解分析发现, 水质参数、社会经济指数和细菌群落对污水中塑料降解基因的分布具有不同影响. 分析结果如图 3(a)所示: 污水水质参数(包括 K^+ 、DO、TN 质量浓度和温度)是影响塑料降解基因分布的关键因子($P<0.05$), 解释了 58.0% 的方差; 其次是社会经济指数, 解释 14.8% 的方差, 说明人类活动对污水微生物塑料降解基因分布有一定影响. 此外, 与普氏分析结果一致, 细菌群落对塑料降解基因分布的影响较小, 仅解释了 5.2% 的方差. 如图 3(b)的 Mantel 检验结果所示, K^+ 和 SO_4^{2-} 质量浓度是影响人工合成塑料降解基因分布的关键因子($P<0.05$),

然而水质参数与天然塑料降解基因分布之间无显著相关性.

表 1 样品水质参数

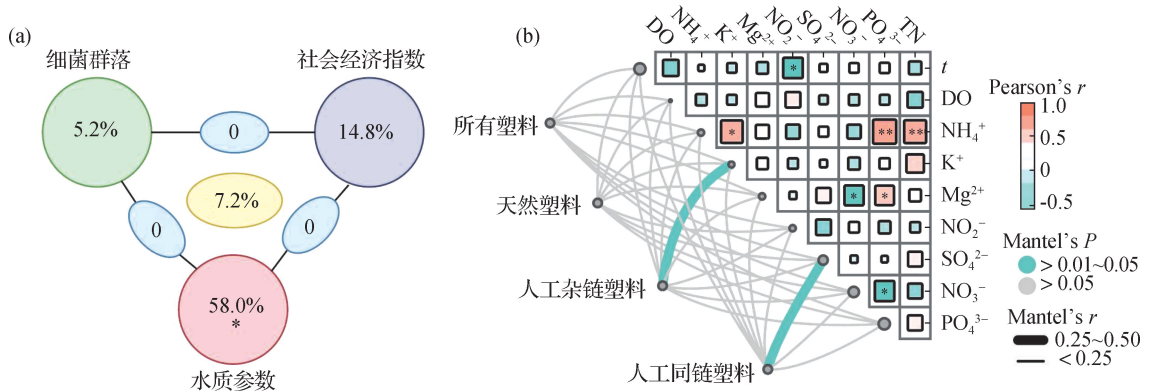
Tab. 1 Parameters of sample water quality

参数	范围	中位数
$t/^\circ\text{C}$	8.5~18.5	13.8
$EC/(\mu\text{S}\cdot\text{cm}^{-1})$	175.8~668.0	381.0
pH	3.37~7.60	7.24
$\rho(\text{DO})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	0.30~8.63	2.48
$\rho(\text{TDS})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	176~670	384
$\rho(\text{Na}^+)/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	11.86~44.41	19.98
$\rho(\text{NH}_4^+)/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	0.79~9.23	4.14
$\rho(\text{K}^+)/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	2.04~8.19	4.95
$\rho(\text{Mg}^{2+})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	1.67~10.03	3.50
$\rho(\text{Ca}^{2+})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	18.32~45.86	28.85
$\rho(\text{F}^-)/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	0~4.17	0.19
$\rho(\text{NO}_2^-)/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	0~1.48	1.04
$\rho(\text{SO}_4^{2-})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	4.88~32.37	12.40
$\rho(\text{NO}_3^-)/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	0.14~1.38	0.17
$\rho(\text{PO}_4^{3-})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	0.001~2.277	0.637
$\rho(\text{TN})/(\text{mg}\cdot\text{L}^{-1})$	2.88~24.70	6.62

注: TDS 表示溶解性固体.

2.3 塑料降解基因的主要宿主鉴定

在本研究中, 宏基因组组装分析共获得 19 138 412 条 contigs 序列(长度 ≥ 500 bp), 从中检测出 220 条含有一个或多个塑料降解基因的 contigs. 进而通过



* 表示 $P<0.05$, ** 表示 $P<0.01$.

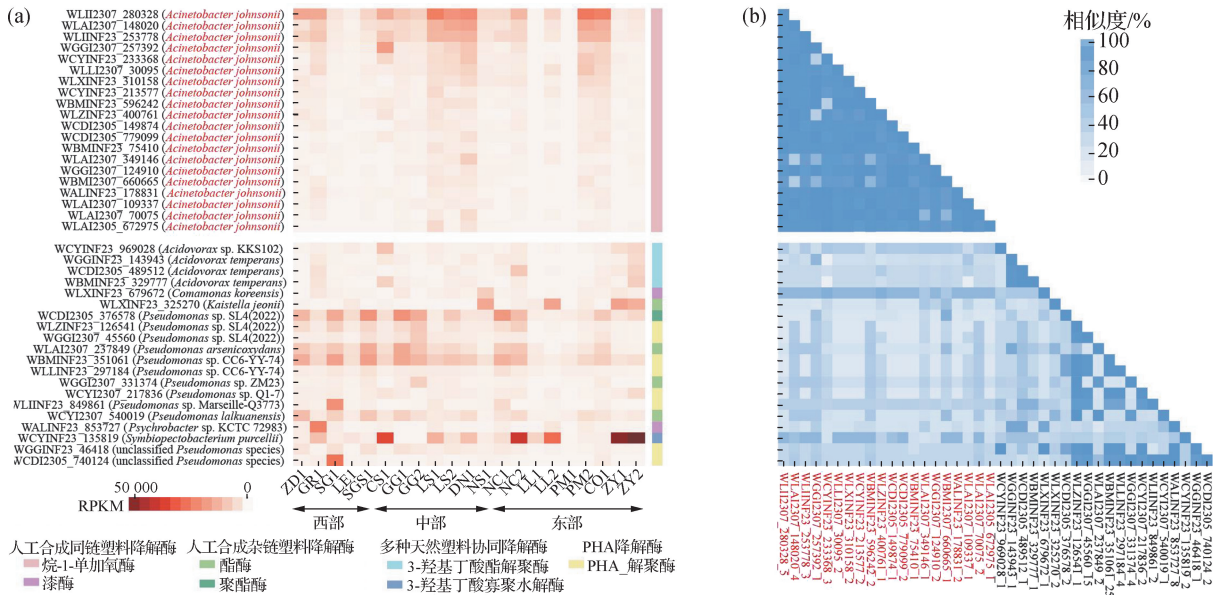
图 3 量化水质参数、社会经济指数和细菌群落对塑料降解基因分布变化相对贡献的方差分解分析(a), 以及污水水质参数与不同类型塑料降解基因关系的 Mantel 检验分析(b)

Fig. 3 Variance partitioning analysis for quantifying the relative contribution of water quality parameters, socioeconomic index, and bacterial communities to the distribution variations of the plastic degrading genes (a), and Mantel test analysis of the correlation between effluent water quality parameters and different types of plastic degrading genes (b)

Kraken2 分类分析鉴定这 220 条 contigs 的物种分类(塑料降解基因的宿主),将其分为人类病原菌和非病原菌,分别选取丰度排名前 20 的 contigs 进行分析.分析结果[图 4(a)]表明:西藏污水厂进水中共分布有 4 种携带塑料降解基因的病原菌 contigs,丰度排名前 20 的病原菌 contigs 均为约翰不动氏菌(*Acinetobacter johnsonii*),它们都携带人工合成同链塑料降解基因;在非病原菌中,丰度前 20 的 contigs 隶属于假单胞菌(12 条 contigs)、*Symbiopectobacterium purcellii*、食酸菌属(*Acidovorax*)、嗜冷杆菌属(*Psychrobacter*)和

丛毛单胞菌属(*Comamonas*),其中 *S. purcellii* contig 在察隅污水厂进水样品中呈现显著高丰度特征.

进一步对上述 40 条病原菌和非病原菌 contigs 携带的塑料降解基因开展序列相似性分析.分析结果[图 4(b)]表明:病原菌和非病原菌 contigs 携带的塑料降解基因的序列相似性较低(氨基酸水平),而不同约翰不动氏菌 contigs 携带的塑料降解基因则较为相似;非病原菌 contigs 携带的塑料降解基因表现出同一宿主内的塑料降解基因相似度较高,但不同宿主之间携带的塑料降解基因的相似度则较低.



标红色字体为人类病原菌;不同色块代表可表达不同类型塑料降解酶的塑料降解基因.

图 4 各点位携带塑料降解基因的丰度排名前 20 的病原菌和非病原菌丰度热图(a),以及存在于相应 contig 上塑料降解基因的序列相似度热图(b)

Fig. 4 Heatmap of the abundance of the top 20 pathogenic and non-pathogenic bacteria carrying plastic degrading genes at each site (a), and heatmap of sequence similarity of plastic degrading genes present on the corresponding contig (b)

3 讨论与结论

3.1 多重因素影响污水微生物塑料降解基因的分布格局

本研究对西藏地区市政污水厂进水中微生物塑料降解基因的地理分布格局开展较为全面的分析.结果显示,天然 PHA 降解基因的丰度最高,与之前研究中亚热带河口塑料降解基因主要以降解多种天然塑料基因为主的情况有所不同^[18].这可能是由于西藏地区与东部沿海区域在自然环境特征、经济发展水平和人类活动强度等方面存在差异.实际上,已有研究证明人类活动会影响区域环境变化,从而导致不同城市

化水平地区的细菌和病毒群落的变化^[23].这些发现揭示了人类活动对不同地区污水厂微塑料菌群分布的重要影响,从侧面揭示了经济发展水平差异可能导致不同地区塑料降解基因的优势宿主差异,从而影响塑料降解效率和塑料污染的程度.本研究中方差分解分析显示,社会经济指数可解释 14.8% 的塑料降解基因分布变异,进一步佐证了人类活动对污水系统塑料降解菌群分布的关键调控作用.但本研究发现塑料降解基因的生物地理分布与细菌群体无显著相关性,且水质参数对其影响较小,这与其他研究不同.其他学者认为微生物在塑料降解中扮演着关键角色,特定细菌群体中存在着一系列具有塑料降解潜力的基因,这些基因的分布受到微生物群落结构和环境因子的影响^[24].相关性分析结果

显示,仅有两个环境因子(K^+ 和 SO_4^{2-} 质量浓度)与人工合成塑料降解基因分布呈现显著相关性,其余环境因子对塑料降解基因的分布影响较小。 K^+ 和 SO_4^{2-} 质量浓度也可能在一定程度上影响这些特定微生物群体的生长和代谢活性,进而影响塑料降解基因的分布。有研究证实 SO_4^{2-} 还原过程会显著改变微生物群落组成。例如,聚乳酸微塑料处理的红树林沉积物中,脱硫弧菌(*Desulfovibrio*)的相对丰度增加,同时与硫循环相关的功能基因(如硫酸盐还原、硫化物氧化基因)显著富集^[25]。这类群落演替可能为携带塑料降解基因的微生物提供生态位优势。

3.2 人类病原菌是塑料降解基因的重要宿主

由于塑料制品在居民日常生活中广泛应用,市政污水厂已成为微塑料的分布热区^[26-27]。微塑料因其表面特性成为微生物的良好载体,污水环境中的微塑料表面普遍附着具有复杂结构的生物膜。值得注意的是,污水系统因富含人类排泄物而携带大量肠道菌群和病原微生物,导致污水微塑料生物膜中人类病原菌的丰度较高^[28]。而人类病原菌和微塑料之间的密切关联机制可能导致其通过进化或水平基因转移获得及传播塑料降解基因,进而使微生物降解菌可以通过降解塑料获得碳源和能源。这可能是西藏地区市政污水厂进水中塑料降解基因的优势宿主之一是人类病原菌(如约翰不动氏菌)的主要原因。尽管病原菌的塑料降解能力可能对缓解环境污染具有潜在价值,但需警惕其带来的生态风险。塑料降解病原菌可能通过降解塑料来获得额外碳源,从而提升其环境适应能力,可能延长其在环境中的存活时间并扩大传播范围,从而形成公共卫生安全隐患。有研究发现,约翰不动氏菌在经过污水处理后丰度显著增加,意味着在污水系统中该病原菌可能具有竞争优势,因此其丰度比例在出水中也相应上升^[29]。这可能与约翰不动氏菌广泛携带塑料降解基因有关,建议后续研究进一步评估塑料降解功能对病原菌赋存特征的影响。序列相似性分析表明,病原菌和非病原菌携带不同的塑料降解基因家族,说明塑料降解基因的分布可能还具有一定的宿主特异性,污水微生物更可能通过进化而非水平基因转移获得特定的塑料降解基因。普氏分析和方差分解分析的结果进一步支持了这一推测。这可能是塑料降解基因仅被少数特定菌群携带(220/19 138 412 contigs)所致。

本研究表明丰度排名前 20 的携带塑料降解基因的病原菌宿主都与人工合成同链塑料相关联,这可能与人工合成同链塑料的特性密切相关。人工合成同链塑料在现代社会中得到广泛应用,其独特的表面特性

和疏水性可能导致病原菌更倾向于选择这类塑料作为生长基质^[30]。已有研究证实,聚苯乙烯和聚乙烯等人工合成同链塑料表面会显著富集病原菌^[31-32]。塑料,尤其是人工合成同链塑料的降解过程可能导致病原菌的富集,甚至会加剧病原菌在环境中的扩散,因此人们应关注其在降解过程中潜在的生态风险。未来的研究应该着重于探究如何有效监测和控制携带塑料降解基因的病原菌在生态系统中的传播,以及如何减少人工合成同链塑料对环境和生物多样性的不良影响。

综上,地区的经济发展水平和人类活动可能会影响塑料降解基因的赋存情况;此外,一些病原菌,特别是携带特定塑料降解基因的约翰不动氏菌等,可能在塑料降解过程中发挥关键作用。本研究有望为深入认识高海拔地区的微生物塑料降解功能潜力提供新见解,为后续开发高效的微生物降解技术提供基础参数。

参考文献:

- [1] PRATA J C. Microplastics and human health; integrating pharmacokinetics[J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2023, 53(16): 1489-1511.
- [2] ZHANG Y L, KANG S C, LUO X, et al. Microplastics and nanoplastics pose risks on the Tibetan Plateau environment[J]. *Science Bulletin*, 2024, 69(5): 589-592.
- [3] DELACUVELLERIE A, GÉRON A, GOBERT S, et al. New insights into the functioning and structure of the PE and PP plastispheres from the Mediterranean Sea[J]. *Environmental Pollution*, 2022, 295: 118678.
- [4] SANKODA K, YAMADA Y. Occurrence, distribution, and possible sources of microplastics in the surface river water in the Arakawa River watershed[J]. *Environmental Science and Pollution Research*, 2021, 28(21): 27474-27480.
- [5] XU C Y, HU C, LU J W, et al. Lake plastisphere as a new biotope in the Anthropocene: potential pathogen colonization and distinct microbial functionality [J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 461: 132693.
- [6] GUO Z Q, LI P, YANG X M, et al. Effects of microplastics on the transport of soil dissolved organic matter in the Loess Plateau of China[J]. *Environmental Science & Technology*, 2023, 57(48): 20138-20147.
- [7] LIU Q R, CHEN Z, CHEN Y L, et al. Microplastics and nanoplastics: emerging contaminants in food[J]. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 2021, 69(36): 10450-10468.
- [8] QIAN N X, GAO X, LANG X Q, et al. Rapid single-particle chemical imaging of nanoplastics by SRS microscopy[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2024, 121(3): e2300582121.

- [9] FORTE M, IACHETTA G, TUSSELLINO M, et al. Polystyrene nanoparticles internalization in human gastric adenocarcinoma cells[J]. *Toxicology in Vitro*, 2016, 31: 126-136.
- [10] KELLY F J, FUSSELL J C. Size, source and chemical composition as determinants of toxicity attributable to ambient particulate matter[J]. *Atmospheric Environment*, 2012, 60: 504-526.
- [11] DENG Y F, ZHANG Y, LEMOS B, et al. Tissue accumulation of microplastics in mice and biomarker responses suggest widespread health risks of exposure [J]. *Scientific Reports*, 2017, 7(1): 46687.
- [12] OßMANN B E, SARAU G, HOLTSMANNSPÖTTER H, et al. Small-sized microplastics and pigmented particles in bottled mineral water[J]. *Water Research*, 2018, 141: 307-316.
- [13] POSPIŠIL J, NEŠPŮREK S. Highlights in chemistry and physics of polymer stabilization[J]. *Macromolecular Symposia*, 1997, 115(1): 143-163.
- [14] OLAYAN H B, HAMI H S, OWEN E D. Photochemical and thermal crosslinking of polymers [J]. *Journal of Macromolecular Science Part C: Polymer Reviews*, 1996, 36(4): 671-719.
- [15] KUMAR R, PANDIT P, KUMAR D, et al. Landfill microbiome harbour plastic degrading genes: a metagenomic study of solid waste dumping site of Gujarat, India[J]. *Science of the Total Environment*, 2021, 779: 146184.
- [16] ZHANG M J, ZHAO Y R, QIN X, et al. Microplastics from mulching film is a distinct habitat for bacteria in farmland soil [J]. *Science of the Total Environment*, 2019, 688: 470-478.
- [17] SCHAEERER L, PUTMAN L, BIGCRAFT I, et al. Coexistence of specialist and generalist species within mixed plastic derivative-utilizing microbial communities [J]. *Microbiome*, 2023, 11(1): 224.
- [18] ZHOU L, SANG S L, LI J J, et al. From waste to resource: metagenomics uncovers the molecular ecological resources for plastic degradation in estuaries of South China[J]. *Water Research*, 2023, 242: 120270.
- [19] ZHOU W, HUANG K, BU D, et al. Remarkable contamination of short- and medium-chain chlorinated paraffins in free-range chicken eggs from rural Tibetan Plateau[J]. *Environmental Science & Technology*, 2024, 58(11): 5093-5102.
- [20] LIN L C, LI L Y, YANG X Y, et al. Unnoticed antimicrobial resistance risk in Tibetan cities unveiled by sewage metagenomic surveillance: compared to the eastern Chinese cities[J]. *Journal of Hazardous Materials*, 2024, 479: 135730.
- [21] LV Z G, XU M, LIU Y, et al. Phagotrophic protists modulate copper resistance of the bacterial community in soil[J]. *Environmental Science & Technology*, 2023, 57(9): 3590-3601.
- [22] GAMBARINI V, PANTOS O, KINGSBURY J M, et al. PlasticDB: a database of microorganisms and proteins linked to plastic biodegradation[J]. *Database*, 2022: baac008.
- [23] LI R L, ZHU L J, CUI L, et al. Viral diversity and potential environmental risk in microplastic at watershed scale: evidence from metagenomic analysis of plastisphere [J]. *Environment International*, 2022, 161: 107146.
- [24] GIANGERI G, MORLINO M S, DE BERNARDINI N, et al. Preliminary investigation of microorganisms potentially involved in microplastics degradation using an integrated metagenomic and biochemical approach[J]. *Science of the Total Environment*, 2022, 843: 157017.
- [25] WANG H L, YANG Q, LI D, et al. stable isotopic and metagenomic analyses reveal microbial-mediated effects of microplastics on sulfur cycling in coastal sediments [J]. *Environmental Science & Technology*, 2023, 57(2): 1167-1176.
- [26] LIU W Y, ZHANG J L, LIU H, et al. A review of the removal of microplastics in global wastewater treatment plants: characteristics and mechanisms[J]. *Environment International*, 2021, 146: 106277.
- [27] ESTAHBANATI S, FAHRENFELD N L. Influence of wastewater treatment plant discharges on microplastic concentrations in surface water[J]. *Chemosphere*, 2016, 162: 277-284.
- [28] LAI K P, TSANG C F, LI L, et al. Microplastics act as a carrier for wastewater-borne pathogenic bacteria in sewage[J]. *Chemosphere*, 2022, 301: 134692.
- [29] JUMAT M R, HAROON M F, AL-JASSIM N, et al. An increase of abundance and transcriptional activity for *Acinetobacter junii* post wastewater treatment [J]. *Water*, 2018, 10(4): 436.
- [30] FOK L, CHEUNG P K. Hong Kong at the Pearl River Estuary: a hotspot of microplastic pollution[J]. *Marine Pollution Bulletin*, 2015, 99(1/2): 112-118.
- [31] LI H, LUO Q P, ZHAO S, et al. Watershed urbanization enhances the enrichment of pathogenic bacteria and antibiotic resistance genes on microplastics in the water environment[J]. *Environmental Pollution*, 2022, 313: 120185.
- [32] BOWLEY J, BAKER-AUSTIN C, MICHELL S, et al. Pathogens transported by plastic debris: does this vector pose a risk to aquatic organisms? [J]. *Emerging Topics in Life Sciences*, 2022, 6(4): 349-358.